〔26〕 Vogel et al. 1976 *Nature* 260:448.
〔27〕 King et al. 1982 *Mut. Res.* 97:117.
〔28〕 Schneider et al. 1976 *Exp. Cell Res.* 100:396.
〔29〕 Alvasez 1980 *Cytogen. Cell Genet.* 28:173.
〔30〕 Sebastian et al. 1980 *Cytogen. Cell Genet* 28:47.
〔31〕 Kato 1974 *Nature* 251:70.
〔32〕 Sutou 1981 *Mut. Res.* 82:331.
〔33〕 Wolff 1977 *Am. Rev. Genet.* 11:183.
〔34〕 Latt et al. 1981 *Mut. Res.* 87:17.
〔35〕 *Neal et al.* 1983 *Mut. Res.* 113:33.
〔36〕 Palitti et al. 1982 *Mut. Res.* 103:191.

一种同时显示哺乳动物染色体R带、G带的方法

王建华 张锡然 陈玉泽 施立明

（中国科学院昆明动物研究所）

摘 要

自1971年Dutrillaux和Lejeune发明以磷酸盐缓冲液热处理显示R带以来，该技术和G带配合，可以更加仔细地描述染色体的形态特征，特别是鉴别染色体的重排和末端缺失。因此，这一技术在细胞遗传学许多方面已得到广泛使用。继后Dutrillaux（1975），Dutrillaux等（1981）又发展了一种新的实验程序，即使用BrdU和TdR细胞同步化方法，得到了更为清晰的人染色体R带和G带。我们对此技术作了简化和改进。本文报导的是人、赤麂（*Muntiacus muntjak*）、黑麂（*Muntiacus crinifrons*）、中国仓鼠（*Cricetulus griseus*）（*CHO*系）四种哺乳动物细胞，采用这种新的R带技术显示的R带、G带。

简化的细胞同步化技术，在"199"培养液培养的人、赤麂、黑麂、CHO成纤维细胞中加入BrdU（200微克/毫升）避光处理6—8小时，省去TdR处理步骤。然后以常规方法收获细胞，制备染色体标本。标本用Hoechst 33258〔1微克/毫升，2×SSC（0.3*M*NaCl+0.03*M*柠檬酸钠）配制〕避光染色15分钟，水洗，凉干。玻片上滴加2×SSC在日光灯（30W）下，距离30厘米，处理90分钟，水洗，凉干。再用87℃的Earle's液处理30—40秒钟，热蒸馏水冲洗，凉干。用Wright/Giemsa-Sörenson磷酸盐缓冲液染色10—12分钟。

采用BrdU和TdR的细胞同步化技术与简化的细胞同步化技术都可以得到较多的分裂细胞，多数都处于前期和前中期，染色体分散良好。经显带染色程序，得到了清晰的R带和G带带型，而且带纹较多。两种程序所显示的R带和G带带纹一致，不同动物所显示的R带、G带的比例有所不同。在我们实验条件下，用BrdU和TdR作同步化处理，在有的材料上（人，黑麂）并没有同时得到R带、G带。而用简化的细胞同步化技术可以在人、赤麂、黑麂、CHO的一张染色体标本上同时得到带纹清晰，容易辨认的R带和G带，这便于进行两种带型的比较分析。该技术简便，结果比较稳定，值得在哺乳动物染色体显带工作中进一步试用。

采用细胞同步化和简化的细胞同步化技术R带、G带出现率

实验材料	R带出现率（%）		G带出现率（%）		SCE出现率（%）	
	细胞同步化技术	简化的细胞同步化技术	细胞同步化技术	简化的细胞同步化技术	细胞同步化技术	简化的细胞同步化技术
人	92	48	—	52	8	—
赤麂	6	30	94	70	—	—
中国仓鼠(CHO)	94	90	6	10	—	—
黑麂	—	93	100	7	—	—

恒河猴 (*Macaca mulatta*) 染色体的高分辨G-带带型

陈宜峰 罗丽华

（中国科学院昆明动物研究所）

摘要

染色体高分辨G—带技术进一步提高了人类和动物染色体分析的精确程度，在细胞遗传学研究中显示出重要的作用。

本文利用氨甲喋呤结合胸苷以及Giemsa染色的高分辨技术，对恒河猴外周血淋巴细胞的晚前期、前中期、早中期和中期染色体进行了有效的G分带，具体程序如下：

1.按常规进行猴血的微量培养。

2.淋巴细胞培养72小时后加入氨甲喋呤，使其最终浓度为$1\times10^{-7}M$，继续培养17小时。

3.用预温（38℃）的RPMI 1640 溶液洗脱氨甲喋呤二次。

4.加入含有20%小牛血清和$10^{-5}M$胸苷的RPMI 1640（80%）培养液，继续培养5小时。

5.在培养结束前30分钟加入秋水酰胺（Colcemid），其最终浓度为0.05微克/毫升。

6.低渗、固定（时间较长），然后空气干燥法制片。

7.将染色体标本置于60℃温箱中烤4小时。

8.在5℃下经0.015%胰酶（Difco）溶液处理40—50秒。

9.Giemsa染色20分钟。

结果表明，晚前期染色体的带数大约为中期染色体的2倍；而前中期和早中期的染色体带数则为中期染色体的1.5倍左右。

最后，作者根据显微照片和显微镜下的观察分析，绘制了恒河猴前中期和中期染色体的G—带带型图，并按人类染色体统一命名体制〔ISCN（1978）〕对其中每一染色体带和亚带进行了命名。